云 南 植 物 研 究 2003，25（1）：71～77
Acta Botanica Yunnanica

小麦族披碱草属、鹅观草属和猬草属模式种的 C 带研究*

杨瑞武[1]，周永红[2]，郑有良[2]
（1 四川农业大学基础部，四川 雅安 625014；2 四川农业大学小麦研究所，四川 都江堰 611830）

摘要：采用改良的 Giemsa C 带技术，分析了小麦族披碱草属、鹅观草属和猬草属模式种的染色体 C 带带型。*Elymus sibiricus*、*Roegneria caucasica* 和 *Hystrix patula* 的染色体在 Giemsa C 带带型上存在明显的差异，显示了这 3 个属模式种的物种特异性。3 个模式种的 Giemsa C 带核型表明，C 带带纹主要分布在染色体的末端和着丝粒附近，而中间带相对较少。对 *E. sibiricus*、*R. caucasica* 和 *H. patula* 的 St、H、Y 染色体组 C 带带型与其它物种的 St、H、Y 染色体组 C 带带型的差异进行了讨论。

关键词：披碱草属；鹅观草属；猬草属；模式种；Giemsa C 带
中图分类号：Q 943　　**文献标识码**：A　　**文章编号**：0253－2700(2003)01－0071－07

Study on Chromosome C-banding among Type Species of *Elymus*, *Roegneria* and *Hystrix* in Triticeae

YANG Rui-Wu[1]，ZHOU Yong-Hong[2]，ZHENG You-Liang[2]
(1 *Department of Basic Sciences*，*Sichuan Agricultural University*，Yaan 625014，China；
2 *Triticeae Research Institute*，*Sichuan Agricultural University*，Dujiangyan 611830，China)

Abstract：The Giemsa C-banding analyses of type species of *Elymus* L.，*Roegneria* C. Koch and *Hystrix* Moench in Triticeae were carried out by using an improved C-banding procedure. The Giemsa C-banding patterns among *E. sibiricus*、*R. caucasica* and *H. patula* were distinct，indicating the interspecific differentiation of the three type species. Most of the Giemsa C-bands of the three type species distributed on chromosome telomere and centromere，with fewer intercalary bands. The C-banding diferences of St，H or Y genome in *E. sibiricus*，*R. caucasica* and *H. patula* between other species were discussed.

Key words：*Elymus*；*Roegneria*；*Hystrix*；Type species；Giemsa C-banding

披碱草属 *Elymus* L.、鹅观草属 *Roegneria* C. Koch、猬草属 *Hystrix* Moench 是小麦族 Triticeae Dumortier 重要的多年生属。在中国，*Elymus* 大约有 12 种；*Roegneria* 大约有 75 种；*Hystrix* 有 2 种。这 3 属植物的多数物种为草原和草甸的重要组成成分，许多种类是优良的牧草，饲用价值极高。同时，有些种类还具有麦类作物所缺乏的高产、优质、抗病、抗虫和抗逆等的基因，这些优良基因可以通过远缘杂交、染色体工程技术、基因工程技术等现

* 基金项目：本研究受四川省教育厅重点研究项目资助
收稿日期：2002－05－08，2002－07－22 接受发表
作者简介：杨瑞武（1969－）男，在读博士，讲师，主要从事植物学教学和小麦资源研究工作。

代遗传和生物技术的方法从野生种类中转移到栽培小麦和大麦的遗传背景中来。因此，作为丰富小麦和大麦遗传多样性的基因资源库，这 3 属植物具有重要的经济价值。

小麦族植物的分布广泛性和形态变异复杂性在很大程度上导致了其分类的困难与混乱。有关 *Elymus*、*Roegneria* 和 *Hystrix* 这 3 个属的属间界限、系统地位、属内等级划分、物种界限以及起源和演化问题，至今仍比较混乱，不同系统学家的意见分歧较大。目前分歧较大的分类处理仍然是将它们合并为一个属，即 *Elymus*（广义），还是将其划分为 3 个独立的属。北美和欧洲的一些学者，特别是 Dewey 和 Löve 以染色体组为分类依据，把 *Roegneria*、*Hystrix* 归于 *Elymus* 之中（Löve，1984；Dewey，1984）。有不少学者，特别是我国的禾草学家则主张将 *Roegneria* 和 *Hystrix* 从 *Elymus* 中独立出来（Cai，1997；Baden 等，1997；Baum 等，1991；Kuo，1987；Sakamoto，1973）。

E. sibiricus、*R. caucasica* 和 *H. patula* 分别是 *Elymus*、*Roegneria* 和 *Hystrix* 的模式种。刘玉红（1985）和孙义凯等（1992）先后报道过 *E. sibiricus* 的核型；Jensen 和 Wang（1991）以及孙根楼等（1992）分别研究过 *R. caucasica* 的花粉母细胞和根尖细胞染色体的核型。Morris 和 Gill（1987）建立了 *Elymus*、*Roegneria* 和 *Hystrix* 植物有关的 St、H、Y 染色体组的 Giemsa C 带带型。本文首次报道了 *E. sibiricus*、*R. caucasica* 和 *H. patula* 的 Giemsa C 带，旨在为研究这 3 属植物模式种的系统关系和在麦类作物育种中检测这 3 种植物的染色体积累 C 带方面的细胞学资料。

1　材料和方法

1.1　材料

供试材料为小麦族 *Elymus*、*Roegneria* 和 *Hystrix* 3 个多年生属的模式种 *E. sibiricus*、*R. caucasica* 和 *H. patula*，种的名称、采集编号及来源列于表 1。

表 1　供试材料

Table 1　Materials used in this study

种名 Species	染色体数目 Chromosome No.	染色体组 Genomes	编号 Accession	来源 Origin
Elymus sibiricus	28	StH	Y2242	四川康定 Sichuan Kangding
Roegneria caucasica	28	StY	Cs-31-5	前苏联 Former USSR
Hystrix patula	28	StH	Per451	加拿大 Canada

1.2　Giemsa C 带方法

Giemsa C 带采用任正隆等（1995）的方法（稍有改动）。其基本过程简述如下：

1.2.1　**材料制备**　种子在恒温（22～24℃）下发芽，待根长至 1～1.5 cm 时，取旺盛生长的幼根根尖。用冰水混合物处理 24 h，卡诺氏固定液 Ⅰ（冰醋酸∶酒精 = 3∶1）固定过夜，在 4℃冰箱中保存备用。

1.2.2　**制片**　固定后的根尖用 0.2 mol/L HCl 在室温（22～24℃）下解离 1～1.5 h，再浸泡于 45% HAc 溶液中 20～30 min。根尖置于载玻片上，切去根冠，挤出分生组织，在 45% HAc 中压片，液氮揭片。自然干燥后，用无水乙醇处理 1h，放入干燥器中保存 1～2 d。

1.2.3　**分带**　干燥后的制片在 60℃下经 0.2 mol/L HCl 处理 3 min，在室温 20～23℃下用 Sigma 公司生产的 $Ba(OH)_2$ 饱和溶液处理 7 min，再用 2×SSC 溶液处理 15 min 后，换入新鲜的 2×SSC 溶液，放入水浴锅中，加温至 52℃，温育 1.5 h。用过滤后的 3% Giemsa 溶液（溶于 0.1 mol/L 的磷酸缓冲液）染色至合适为止。

1.3 带型分析

选取染色体带型好且较分散的细胞在 Olympus BH2 显微摄影相机上照相。在放大的相片上，结合显微镜直接观察结果，分析各染色体的 C 带带型特征。根据 5 个细胞中染色体带的情况，绘制出带型模式图。

染色体的鉴别与排列参照 Morris & Gill（1987）的标准进行。染色体相对长度和臂比的计算以及染色体类型的划分均参照张自立和俞新大（1990）的方法和标准进行。

凭证标本存于四川农业大学小麦研究所标本室（SAUTI）。

2 观察结果

2.1 *E. sibiricus* 的 Giemsa C 带核型

E. Sibiricus 根尖细胞共有 14 对染色体，除 7St 为近中部着丝粒染色体外，其余 13 对染色体属于中部着丝粒染色体。染色体的相对长度介于 5.82% ~ 9.32% 之间，臂比为 1.06 ~ 2.00（表 2）。核型公式为：2n = 4x = 28 = 26m + 2sm。

每条染色体可显示出 1 ~ 5 条 Giemsa C 带（图 1，a，表 2），其 C 带长度占染色体长度的比例介于 9.38% ~ 42.11% 之间（表 2）。C 带总长占染色体总长度的 31.46%，其中，St 染色体组中，29.71% 的染色体长度显示出 C 带，C 带最丰富的是 1St 染色体，其 C 带长度占了染色体长度的 42.11%；H 染色体组中，32.97% 的染色体长度显示出 C 带，每条染色体的 C 带数目相对稳定，C 带在每条染色体上的长度比例变幅也不大。

St 染色体组中，除 7St 外，其它染色体均具有较强的短臂末端带，而长臂末端带普遍较弱或缺少；中间带相对较弱，多集中于 1St、2St、4St 的长臂上；3St、4St、7St 具有较强的着丝粒带，其余染色体未显示出着丝粒带。H 染色体组中，除 1H、6H 外，其它染色体都显示出短臂末端带，与长臂末端带相比，相对较弱，但 2H 不具长臂末端带；除 4H 和 5H 外，其余染色体均具有着丝粒带；中间带在长、短臂都有分布，在 2H 染色体短臂有一强而宽大的近着丝粒带，好似与着丝粒带发生了“愈合”。

2.2 *R. caucasica* 的 Giemsa C 带核型

R. caucasica 根尖细胞染色体数目为 28。14 对染色体中，中部着丝粒染色体和近中部着丝粒染色体各占一半（表 2），核型公式为：2n = 4x = 28 = 14m + 14sm。

总染色体长度中有 23.20% 显示出 C 带，每对染色体的 Giemsa C 带带型见图 1，b。每条染色体可显示出 2 ~ 5 条带，每条染色体的 C 带长度占染色体长度的比例变幅为 11.36% ~ 37.50%（表 2）。在其 St、Y 染色体组中，分别有 24.78% 和 21.50% 的染色体长度显示出 C 带。4St 和 4Y 分别是各自染色体组中 C 带最丰富的染色体。

所有染色体都显示出短臂末端带，并且多为强带，长臂末端带也在较多的染色体中出现。着丝粒带较少，仅在 2St、3St 染色体上显示出来。长、短臂都有中间带的分布，St 染色体组的中间带多在长臂上，而 Y 染色体组的中间带在短臂上相对较多。

2.3 *H. patula* 的 Giemsa C 带核型

H. patula 为四倍体（2n = 4x = 28）物种，除 1St、4St、5St 和 6H 为近中部着丝粒染色体外，其余 10 对染色体属于中部着丝粒染色体。染色体的相对长度的变幅为 5.23% ~ 9.79%，臂比变幅为 1.08 ~ 2.11（表 2）。核型公式为：2n = 4x = 28 = 20m + 8sm。

表 2 *E. sibiricus*、*R. caucasica* 和 *H. patula* 的染色体参数

Table 2 The parameters of chromosomes of *E. sibiricus*, *R. caucasica* and *H. patula*

种名 Species	染色体 Chromosomes	相对长度/% Relation length/%	臂比（L/S） Arm ratio	类型 Type	C 带数目 C-bandings No.	C 带的染色体长度比/% LC/Lc* /%
	1St	4.27 + 3.11 = 7.38	1.38	m	5	42.11
	2St	4.08 + 3.11 = 7.19	1.31	m	5	38.89
	3St	3.50 + 3.30 = 6.80	1.06	m	2	20.00
	4St	3.69 + 3.11 = 6.80	1.19	m	5	36.11
	5St	3.88 + 2.72 = 6.60	1.43	m	4	35.29
	6St	3.50 + 2.72 = 6.22	1.29	m	1	9.38
Elymus sibiricus	7St	3.88 + 1.94 = 5.82	2.00	sm	2	21.43
	1H	5.44 + 3.88 = 9.32	1.40	m	4	27.08
	2H	5.05 + 4.08 = 9.13	1.24	m	4	32.61
	3H	3.88 + 3.50 = 7.38	1.11	m	4	35.14
	4H	4.27 + 3.11 = 7.38	1.38	m	3	35.14
	5H	3.50 + 2.72 = 6.22	1.29	m	4	37.50
	6H	3.30 + 2.72 = 6.02	1.21	m	4	26.47
	7H	4.27 + 3.50 = 7.77	1.22	m	4	38.10
	1St	5.41 + 3.18 = 8.59	1.70	m	4	19.30
	2St	5.41 + 2.71 = 8.12	2.00	sm	5	32.08
	3St	5.25 + 2.71 = 7.96	1.94	sm	4	25.49
	4St	5.10 + 2.55 = 7.65	2.00	sm	5	37.50
	5St	4.14 + 3.18 = 7.32	1.30	m	2	18.18
	6St	3.50 + 2.87 = 6.37	1.22	m	2	17.50
Roegneria caucasica	7St	3.82 + 2.55 = 6.37	1.50	m	3	21.05
	1Y	4.46 + 2.87 = 7.33	1.56	m	3	22.73
	2Y	4.78 + 2.55 = 7.33	1.88	sm	3	23.91
	3Y	4.62 + 2.55 = 7.17	1.81	sm	2	21.28
	4Y	4.30 + 2.39 = 6.69	1.80	sm	5	31.82
	5Y	4.46 + 2.23 = 6.69	2.00	sm	2	11.36
	6Y	3.98 + 2.39 = 6.37	1.67	m	5	23.81
	7Y	3.18 + 2.87 = 6.05	1.11	m	3	15.00
	1St	6.31 + 3.48 = 9.79	1.81	sm	5	26.67
	2St	5.88 + 3.59 = 9.47	1.64	m	7	38.37
	3St	4.57 + 3.26 = 7.83	1.40	m	4	22.22
	4St	4.79 + 2.61 = 7.40	1.83	sm	3	22.06
	5St	4.14 + 2.39 = 6.53	1.73	sm	6	30.00
	6St	3.70 + 2.61 = 6.31	1.42	m	5	28.81
Hystrix patula	7St	3.05 + 2.83 = 5.88	1.08	m	4	33.33
	1H	5.01 + 3.26 = 8.27	1.53	m	6	26.32
	2H	4.57 + 3.48 = 8.05	1.31	m	3	20.51
	3H	3.92 + 2.83 = 6.75	1.38	m	6	24.24
	4H	3.48 + 2.83 = 6.31	1.23	m	7	40.63
	5H	3.26 + 2.83 = 6.09	1.15	m	4	25.00
	6H	4.13 + 1.96 = 6.09	2.11	sm	4	17.86
	7H	3.05 + 2.18 = 5.23	1.40	m	5	40.00

* LC/Lc = C-bandings length/chromosome length

有 28.12%的总染色体长度显示出 C 带，每条染色体可显示出 3 ~ 7 条带（图 1，c，表 2），每对染色体的 C 带占染色体长度的比例在 17.86% ~ 40.63%之间变化（表 2）。28.83%的 St 染色体组长度和 27.33%的 H 染色体组长度显示出 C 带，2St 和 4H 分别是 St 和 H 染色体组中 C 带最丰富的染色体。

各有 5 条 St 染色体（1St、2St、4St、5St、6St）和 H 染色体（1H、3H、5H、6H、7H）具有短臂末端带，St 染色体组中具有长臂末端带的染色体也有 5 条（2St、4St、5St、6St、

7St)，而 H 染色体组中仅 4H 和 6H 具长臂末端带。所有染色体都显示出 1 ~ 5 条中间带，在长、短臂都有分布。除 4St 和 5St 外，其它染色体均显示出着丝粒带。

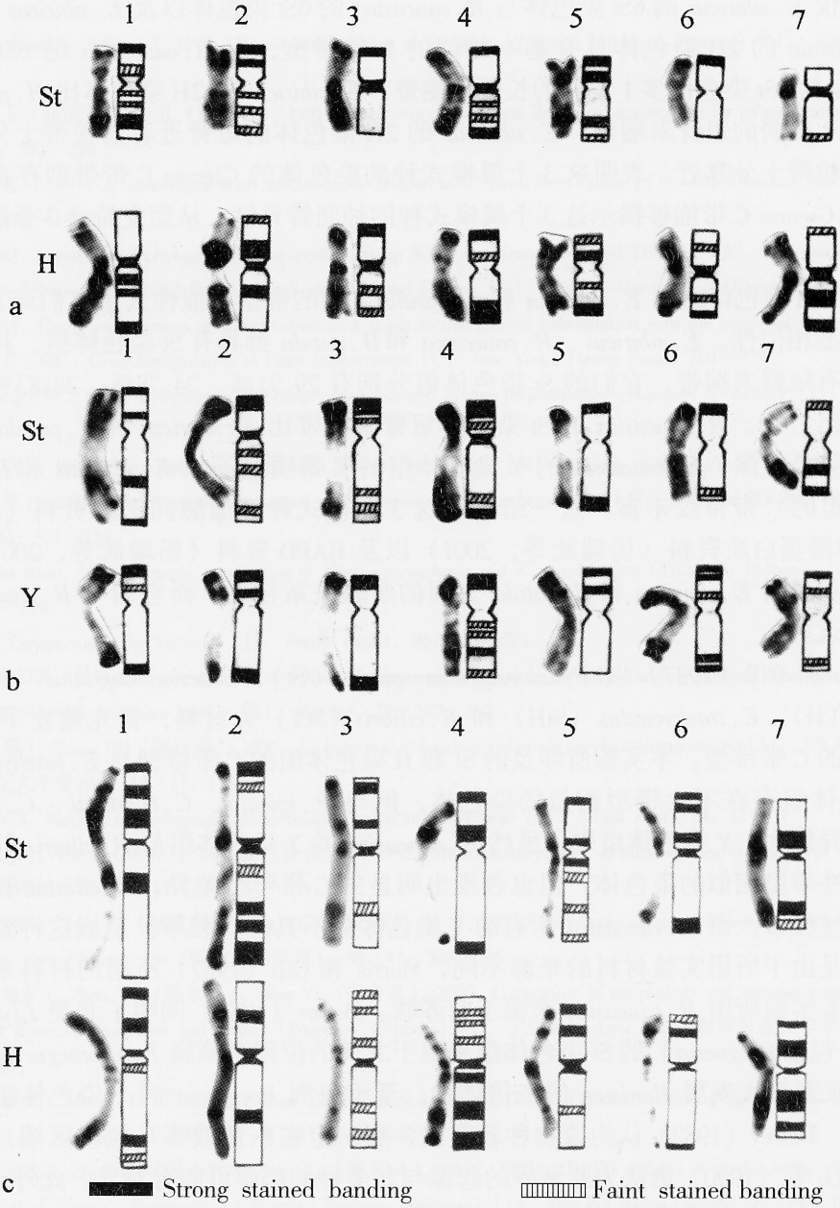

图 1　*E. sibiricus*、*R. caucasica* and *H. patula* 的 Giemsa C 带核型

a. *E. sibiricus*, b. *R. caucasica*, c. *H. patula*

Fig. 1　Giemsa C-banding karyotype of *E. sibiricus*, *R. caucasica* and *H. patula*

a. *E. sibiricus*, b. *R. caucasica*, c. *H. patula*

3 讨论

Elymus、*Roegneria* 和 *Hystrix* 模式种的 C 带带纹主要分布在染色体的末端和着丝粒附近，而中间带相对较少。*E. sibiricus*、*R. caucasica* 和 *H. patula* 之间不存在 C 带完全相同的染色体，仅 *E. sibiricus* 的 6St 染色体与 *R. caucasica* 的 6St 染色体以及 *E. sibiricus* 的 2H 染色体与 *H. patula* 的 2H 染色体具有基本相似的 C 带带型，但 *R. caucasica* 的 6St 染色体比 *E. sibiricus* 的 6St 染色体多 1 条弱的长臂近端带，*E. sibiricus* 的 2H 染色体比 *H. patula* 的 2H 染色体多 1 条弱的短臂末端带，*E. sibiricus* 的 2H 染色体的短臂近着丝粒带十分宽大，并且与着丝粒带十分靠近。表明这 3 个属模式种的染色体的 Giemsa C 带带型存在明显的差异，说明 Giemsa C 带能够揭示这 3 个属模式种的种间特异性。从而支持这 3 个属可以相互独立。

同具 StH 染色体组的 *E. sibiricus* 和 *H. patula* 之间的带型相似性大于它们与 *R. caucasica* 之间的带型相似性。*E. sibiricus*、*R. caucasica* 和 *H. patula* 都具有 St 染色体组，其 St 染色体几乎都具有短臂末端带，它们的 St 染色体组分别有 29.71%、24.78%、28.83% 的染色体长度显示出 C 带。*R. caucasica* 的 St 染色体短臂末端带比 *E. sibiricus* 和 *H. patula* 的相应带宽大并且染色较深，*R. caucasica* 的 Y 染色体组的 C 带明显不如 *E. sibiricus* 和 *H. patula* 的 H 染色体组的 C 带带纹丰富。这一结果与这 3 个模式种的酯酶同工酶资料（杨瑞武等，2000)、醇溶蛋白质资料（杨瑞武等，2001）以及 RAPD 资料（杨瑞武等，2001）是一致的，进一步表明 *E. sibiricus* 和 *H. patula* 之间的亲缘关系较近，而它们与 *R. caucasica* 的关系相对较远。

Morris 和 Gill（1987）以 *Pseudoroegneria spicata*（St)、*Critesion bogdanii*（H)、*C. californicum*（H)、*E. trachycaulus*（StH）和 *R. ciliaris*（StY）为材料，首先建立了 St、H、Y 染色体组的 C 带带型。本实验所涉及的 St 和 H 染色体组的 C 带带型与 *E. trachycaulus* 的 St 和 H 染色体组存在不少带型相似的染色体，但与 *P. spicata*、*C. bogdanii*、*C. californicum* 的带型差异较大；Y 染色体组中，虽然 *R. caucasica* 的 Y 染色体组与 *R. ciliaris* 的 Y 染色体组存在一些带型相似的染色体，但也表现出明显的 C 带带型差异，*R. ciliaris* 的 Y 染色体均具有着丝粒带，而 *R. caucasica* 所有的 Y 染色体都不具着丝粒带。造成这种差异的主要原因可能是由于所用实验材料的来源不同，Morris 和 Gill（1987）所用的材料来自北美和欧洲，而本实验所用 *R. caucasica* 来源于前苏联。Dewey（1982）阐明了北美 *Elymus*（广义的 *Elymus* 包括 *Roegneria*）的 St 染色体组来源于北美的拟鹅观草属 *Pseudoroegneria* 的二倍体物种，H 来源于大麦属 *Hordeum* 的二倍体种。至于亚洲 *Roegneria* 的 Y 染色体组一直未知其供体种，Dewey（1982）认为该物种若存在，那一定在东亚或喜马拉雅区域，也可能已经绝灭。Lu 等（1990）也认为亚洲种的起源与北美种的起源可能有差异。此外，C 带分带技术的不一致也可能是造成这种差异的另一原因。

刘玉红（1985）和孙义凯等（1992）先后报道过 *E. sibiricus* 的核型，他们的研究结果存在明显的差异，分别观察到 *E. sibiricus* 具有 1 对或 2 对随体染色体。Jensen 和 Wang（1991）以及孙根楼等（1992）分别研究过 *R. caucasica* 的核型，发现 *R. caucasica* 也具有 1 对或 2 对随体染色体。本实验采用的是 Giemsa C 带方法，没有见到 *E. sibiricus* 和 *R. caucasica* 的随体染色体，核型公式也与前人的研究存在明显的差异。造成差异的原因与实验

材料的来源，实验时生物个体的生理、生化状态和实验所采用的方法以及实验误差有关。

〔参 考 文 献〕

Baden C，Frederiksen S，Seberg O，1997. A taxonomic revision of the genus *Hystrix*（Triticeae，Poaceae）［J］. *Nord J Bot*，**17**：449—467

Baum BR，Yen C（颜济），Yang JL（杨俊良），1991. *Roegneria*：its generic limits and justification for its recognition［J］. *Can J Bot*，**69**：282—294

Cai LB（蔡联炳），1997. A taxonomical study on the genus *Roegneria* C. Koch from China［J］. *Acta Phytotax Sin*（植物分类学报），**35**：148—177

Dewey DR，1982. Genomic and phylogenetic relationships among North American perennical Triticeae［A］. In：Estes JR，Tyrl RJ，Brunken JN（Eds）：Grasses and Grasslands：Systematics and Ecology［C］. Norman：University of Oklahoma Press，51—88

Dewey DR，1984. The genome system of classification as a guide to intergeneric hybridization with the perennial Triticeae［A］. In：Gustafson JP（Ed）：Gene Manipulation in Plant Improvement［C］. New York：Plenim Press，209—279

Jensen KB，Wang RRC，1991. Cytogenetics of *Elymus caucasicus* and *Elymus longearistatus*（Poaceae：Triticeae）［J］. *Genome*，**34**：860—867

Kuo PC（郭本兆），1987. Flora Reipublicae Popularis Sinicae，vol. 9（3）［M］. Beijing：Science Press，7—119

Liu YH（刘玉红），1985. Studies on the karyotypes of 11 species of *Elymus* from China［J］. *J Wuhan Bot Res*（武汉植物学研究），**3**（4）：325—330

Lu BR，Bothmer Rvon，1990. Genome constitution of *Elymus parviglumis* and *E. pseudonutans*（Triticeae：Poaceae）［J］. *Hereditas*，**113**：109—119

Löve A，1984. Conspectus of the Triticeae［J］. *Feddes Repert*，**95**：425—521

Morris KLD，Gill BS，1987. Genomic affinities of individual chromosomes based on C- and N-banding analyses of tetraploid *Elymus* species and their diploid progenitor species［J］. *Genome*，**29**：247—252

Ren ZL（任正隆），Zhang HQ（张怀琼），1995. An improved C-banding technique for plant chromosomes［J］. *J Sichuan Agric Univ*（四川农业大学学报），**13**（1）：1—5

Sakamoto S，1973. Patterns of phylogenetic differentiation in the tribe Triticeae［J］. *Seiken Ziho*，**24**：11—31

Sun GL（孙根楼），Yan J（颜济），Yang JL（杨俊良），1992. Study on karyotypes of three species of *Roegneria*［J］. *Acta Bot Yunnan*（云南植物研究），**14**（2）：164—168

Sun YK（孙义凯），Zhao YT（赵毓棠），Dong YC（董玉琛），*et al*，1992. Karyotypes of eleven species of Triticeae in Northeast China［J］. *Acta Phytotax Sin*（植物分类学报），**30**（4）：342—345

Yang RW（杨瑞武），Zhou YH（周永红），Zhen YL（郑有良），2000. Comparison of morphology and esterase isozyme among type species of *Elymus*，*Roegneria* and *Hystrix*（Poaceae：Triticeae）［J］. *J Sichuan Agric Univ*（四川农业大学学报），**18**（4）：291—2955

Yang RW（杨瑞武），Zhou YH（周永红），Zhen YL（郑有良），*et al*，2001. Gliadin analysis of type species of four genera in Triticeae［J］. *Guihaia*（广西植物），**21**（3）：239—242

Yang RW（杨瑞武），Zhou YH（周永红），Zhen YL（郑有良），*et al*，2001. RAPD analysis of phylogenetic relationship among type species of *Elymus*，*Roegneria* and *Hystrix*（Poaceae：Triticeae）［J］. *Acta Bot Boreal-Occident Sin*（西北植物学报），**21**（5）：865—871

Zhang ZL（张自立），Yu XD（俞新大），1990. Principle and technology of plant cell and somatic cell genetics［M］. Beijing：Higher Education Press，17